

---

# 新研究构筑三种不同分子拓扑结构

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/10920.html>

**本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！**

新研究构筑三种不同分子拓扑结构。

近日，华东师范大学化学与分子工程学院David A. Leigh（李大为）教授团队分子拓扑学研究获突破性进展。研究团队首次利用单一分子股线，通过模拟分子伴侣蛋白诱导蛋白折叠的过程，实现了三种不同分子拓扑结构的构筑，完全区别于此前该领域报道的一种合成方法对应一种拓扑结构的策略，大大拓展了分子拓扑学研究拓扑类蛋白功能及构象关系的潜力。8月26日，相关研究成果在线发表于《自然》。

此前，李大为课题组已经报道了利用金属模板构筑多种单分子结结构的工作，但仍缺乏用一条分子链构筑多种结的策略。针对这一科学问题，受伴侣蛋白机制启发，李大为团队设计了具有不同模板络合能力的单一分子链结构，并通过调整相互正交的过渡金属离子和镧系金属离子模板添加过程，利用点手性诱导可以准确构筑具有单一拓扑手性的分子结52，大环01和31结三种拓扑异构体。

李大为告诉《中国科学报》，这三种拓扑结构中，52结的存在对称度较低，这也是科学家首次报道该拓扑结构的合成策略。

其中，分子结52的构筑包含四步。首先配体L1与Cu(I)配位形成两种金属络合物 Cu和 Cu; 随后利用配体中点手性诱导，使得其中的一种构型 Cu络合物与Lu(III)形成开链52结; 再通过关环、脱金属模板得到目标52结。需要指出的是，分子结52的合成不受热力学控制，不同的金属离子添加顺序会产生不同的结果。

由于该结构内部存在正交的金属配位位点，因此在所形成31结内，通过改变金属模板，可以实现结结构的运动，而这也是首次在单分子结结构中实现结点流动，为后续研究蛋白结结构运动提供了可行性方案。

---

李大为表示，在该工作中，单分子股线构筑不同分子结结构在分子层面模拟了分子伴侣蛋白的诱导蛋白质折叠过程，这不仅为未来构筑复杂拓扑结构提供了新的思路，也同时为进一步研究蛋白质结结构奠定了基础。（来源：中国科学报黄辛卜叶）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1038/s41586-020-2614-0>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：李大为等 来源：《自然》

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发